```
  1  MVRSGNKAAVVLCMDVGFTMSNSIPGIESPFEQAKKVITMFVQRQVFAEN   50
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MVRSGNKAAVVLCMDVGFTMSNSIPGIESPFEQAKKVITMFVQRQVFAEN   50

 51  KDEIALVLFGTDGTDNPLSGGDQYQNITVHRHLMLPDFDLLEDIESKIQP  100
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  KDEIALVLFGTDGTDNPLSGGDQYQNITVHRHLMLPDFDLLEDIESKIQP  100

101  GSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGKKFEKRHIEIFTDLSSRFSKSQLDII  150
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  GSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGKKFEKRHIEIFTDLSSRFSKSQLDII  150

151  IHSLKKCDISLQFFLPFSLGKEDGSGDRGDGPFRLGGHGPSFPLKGITEQ  200
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  IHSLKKCDISLQFFLPFSLGKEDGSGDRGDGPFRLGGHGPSFPLKGITEQ  200

201  QKEGLEIVKMVMISLEGEDGLDEIYSFSESLRKLCVFKKIERHSIHWPCR  250
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  QKEGLEIVKMVMISLEGEDGLDEIYSFSESLRKLCVFKKIERHSIHWPCR  250
```

Fig. 1

251 LTIGSNLSIRIAAYKSILQERVKKTWTVVDAKTLKKEDIQKETVYCLNDD 300
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 LTIGSNLSIRIAAYKSILQERVKKTWTVVDAKTLKKEDIQKETVYCLNDD 300

301 DETEVLKEDIIQGFRYGSDIVPFSKVDEEQMKYKSEGKCFSVLGFCKSSQ 350
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 DETEVLKEDIIQGFRYGSDIVPFSKVDEEQMKYKSEGKCFSVLGFCKSSQ 350

351 VQRFFMGNQVLKVFAARDDEAAAVALSSLIHALDDLDMVAIVRYAYDKR 400
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 VQRFFMGNQVLKVFAARDDEAAAVALSSLIHALDDLDMVAIVRYAYDKR 400

401 ANPQVGVAFPHIKHNYECLVYVVQLPFMEDLRQYMFSSLKNSKKYAPTEAQ 450
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 ANPQVGVAFPHIKHNYECLVYVVQLPFMEDLRQYMFSSLKNSKKYAPTEAQ 450

451 LNAVDALIDSMSLAKKDEKTDTLEDLFPTTKIPNPRFQRLFQ 492
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 LNAVDALIDSMSLAKKDEKTDTLEDLFPTTKIPNPRFQRLFQ 492

Fig. 1(Cont.)

```
  1 MVRSGNKAAVVLCMDVGFTMSNSIPGIESPFEQAKKVITMFVQRQVFAEN   50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MVRSGNKAAVVLCMDVGFTMSNSIPGIESPFEQAKKVITMFVQRQVFAEN   50

 51 KDEIALVLFGTDGTDNPLSGGDQYQNITVHRHLMLPDEDLLEDIESKIQP  100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 KDEIALVLFGTDGTDNPLSGGDQYQNITVHRHLMLPDEDLLEDIESKIQP  100

101 GSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGKKFEKRHIEIFTDLSSRFESKSQLDII  150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 GSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGKKFEKRHIEIFTDLSSRFESKSQLDII  150

151 IHSLKKCDISLQFFLPFESLGKEDGSGDRGDGPFRLGGHGPSFPLKGITEQ  200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 IHSLKKCDISLQFFLPFESLGKEDGSGDRGDGPFRLGGHGPSFPLKGITEQ  200

201 QKEGLEIVKMVMISLEGEDGLDEIYSFSESLRKLCVFKKIERHSIHWPCR  250
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 QKEGLEIVKMVMISLEGEDGLDEIYSFSESLRKLCVFKKIERHSIHWPCR  250
```

Fig. 2.

```
251 LTIGSNLSIRIAAYKSILQERVKKKTWTVVDAKTLKKEDIQKETVYCLNDD 300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 LTIGSNLSIRIAAYKSILQERVKKKTWTVVDAKTLKKEDIQKETVYCLNDD 300

301 DETE.............................................. 304

301 DETEVLKEDIIQGFRYGSDIVPFSKVDEEQMKYKSEGKCFSVLGFCKSSQ 350
        ||||
305 ...............LNPPAEVTTKSQIPLSKIKTLFPLIEAKKKDQVTA 339
                   ||||||||||||||||||||||||||||||
501 PREPLPPIQQHIWMLNPPAEVTTKSQIPLSKIKTLFPLIEAKKKDQVTA 550

340 QEIFQDNHEDGPTAKKLKTEQGGAHFSVSSLAEGSVTSVGSVNPAENFRV 389
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551 QEIFQDNHEDGPTAKKLKTEQGGAHFSVSSLAEGSVTSVGSVNPAENFRV 600

390 LVKQKKASFEEASNQLINHIEQFLDTNETPYFMKSIDCIRAFREEAIKFS 439
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601 LVKQKKASFEEASNQLINHIEQFLDTNETPYFMKSIDCIRAFREEAIKFS 650
```

Fig. 2 (Cont.)

```
440  EEQRFNNFLKALQEKVEIKQLNHFWEIVVQDGITLITKEEASGSSVTAEE  489
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
651  EEQRFNNFLKALQEKVEIKQLNHFWEIVVQDGITLITKEEASGSSVTAEE  700


490  AKKFLAPKDKPSGDTAAVFEEGGDVDDLLDMI  521
     |||||||||||||||||||||||||||||||
701  AKKFLAPKDKPSGDTAAVFEEGGDVDDLLDMI  732
```

Fig. 2 (Cont.)

```
  2 GCGCSSHPEDDWMENIDVCENCHYPIVPLDGKGTLLIRNGSEVRDPLVTY  51
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 GCGCSSHPEDDWMENIDVCENCHYPIVPLDGKGTLLIRNGSEVRDPLVTY  50

 52 EGSNPPASPLQDNLVIALHSYEPSHDGDLGFEKGEQLRILEQSGEWWKAQ 101
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 EGSNPPASPLQDNLVIALHSYEPSHDGDLGFEKGEQLRILEQSGEWWKAQ 100

102 SLTTGQEGFIPFNFVAKANSLEPEPWFFKNLSRKDAERQLLAPGNTHGSF 151
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 SLTTGQEGFIPFNFVAKANSLEPEPWFFKNLSRKDAERQLLAPGNTHGSF 150

152 LIRESESTAGSFSLSVRDFDQNQGEVVKHYKIRNLDNGGFYISPRITFPG 201
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 LIRESESTAGSFSLSVRDFDQNQGEVVKHYKIRNLDNGGFYISPRITFPG 200

202 LHELVRHYTNASDGLCTRLSRPCQTQKPQKPWWEDEWEVPRETLKLVERL 251
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 LHELVRHYTNASDGLCTRLSRPCQTQKPQKPWWEDEWEVPRETLKLVERL 250
```

Fig. 3

252 GAGQFGEVWMGYYNGHTKVAVKSLKQGSMSPDAFLAEANLMKQLQHQRLV 301
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 GAGQFGEVWMGYYNGHTKVAVKSLKQGSMSPDAFLAEANLMKQLQHQRLV 300

302 RLYAVVTQEPIYIITEYMENGSLVDFLKTPSGIKLTINKLLDMAAQIAEG 351
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 RLYAVVTQEPIYIITEYMENGSLVDFLKTPSGIKLTINKLLDMAAQIAEG 350

352 MAFIEERNYIHRDLRAANILVSDTLSCKIADFGLARLIEDIHHQVR 397
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| : |
351 MAFIEERNYIHRDLRAANILVSDTLSCKIADFGLARLIEDNEYTAR 396

Fig. 3(Cont.)

302 TLKLVERLGAGQFGEVWMGYYNGHTKVAVKSLKQGSMSPDAFLAEANLMK 351
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
243 TLKLVERLGAGQFGEVWMGYYNGHTKVAVKSLKQGSMSPDAFLAEANLMK 292

352 QLQHQRLVRLYAVVTQEPIYIITEYMENGSLVDFLKTPSGIKLTINKLLD 401
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
293 QLQHQRLVRLYAVVTQEPIYIITEYMENGSLVDFLKTPSGIKLTINKLLD 342

402 MAAQIAEGMAFIEERNYIHRDLRAANILVSDTLSCKIADFGLARLIEDNE 451
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
343 MAAQIAEGMAFIEERNYIHRDLRAANILVSDTLSCKIADFGLARLIEDNE 392

452 YTAREGAKFPIKWTAPEAINYGTFTIKSDVWSFGILLTEIVTHGRIPYPG 501
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
393 YTAREGAKFPIKWTAPEAINYGTFTIKSDVWSFGILLTEIVTHGRIPYPG 442

502 MTNPEVIQNLERGYRMVRPDNCPEELYQLMRLCWKERPEDRPTFDYLRSV 551
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
443 MTNPEVIQNLERGYRMVRPDNCPEELYQLMRLCWKERPEDRPTFDYLRSV 492

552 LEDFFTATEGQYQPQP 567
    ||||||||||||||||
493 LEDFFTATEGQYQPQP 508

Fig. 4 (Cont.)

```
2   GCGCSSHPEDDWMENIDVCENCHYPIVPLDGKGTLLIRNGSEVRDPLVTY   51
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1   GCGCSSHPEDDWMENIDVCENCHYPIVPLDGKGTLLIRNGSEVRDPLVTY   50

52  EGSNPPASPLQGDPRQQGLKDKACGSLAVGFHLSPTYFLPGLAFLVPHPV   101
    ||||||||||
51  EGSNPPASPLQ.......................................   61

102 TPGFLPIPARFSLTPLVFTDNLVIALHSYEPSHDGDLGFEKGEQLRILEQ   151
                      |||||||||||||||||||||||||||||||||
62  ...............DNLVIALHSYEPSHDGDLGFEKGEQLRILEQ       92

152 SGEWWKAQSLTTGQEGFIPFNFVAKANSLEPEPWFFKNLSRKDAERQLLA   201
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
93  SGEWWKAQSLTTGQEGFIPFNFVAKANSLEPEPWFFKNLSRKDAERQLLA   142

202 PGNTHGSFLIRESESTAGSFSLSVRDFDQNQGEVVKHYKIRNLDNGGFYI   251
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
143 PGNTHGSFLIRESESTAGSFSLSVRDFDQNQGEVVKHYKIRNLDNGGFYI   192

252 SPRITFPGLHELVRHYTNASDGLCTRLSRPCQTQKPQKPWWEDEWEVPRE   301
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
193 SPRITFPGLHELVRHYTNASDGLCTRLSRPCQTQKPQKPWWEDEWEVPRE   242
```

Fig. 4

```
  1 MRIAVICFCLLGITCAIPVKQADSGSSEEKQLYNKYPDAVATWLNPDPSQ   50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MRIAVICFCLLGITCAIPVKQADSGSSEEKQLYNKYPDAVATWLNPDPSQ   50

 51 KQNLLAPQNAVSSEETNDFKQETLPSKSNESHDHMDDMDDEDDDHVDSQ   100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 KQNLLAPQNAVSSEETNDFKQETLPSKSNESHDHMDDMDDEDDDHVDSQ   100

101 DSIDSNDSDDVDDTDDSHQSDESHHSDESDELVTDFPTDLPATEVFTPVV  150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 DSIDSNDSDDVDDTDDSHQSDESHHSDESDELVTDFPTDLPATEVFTPVV  150

151 PTVDTYDGRGDSVVYGLRSKSKKFRRPDIQVNPLTD  186
    ||||||||||||||||||||||||||||||  ||
151 PTVDTYDGRGDSVVYGLRSKSKKFRRPDIQYPDATD  186
```

Fig. 5

```
62  AEAIPCTLAVSNPHTDAWKSHGLVEVASYCEESRGNNQWVPYISLQER  109
        :  | |.||||||||||||||||||||||||||||||||||
114 ARDLHC.LLVTNPHTDAWKSHGLVEVASYCEESRGNNQWVPYISLQER  160
```

Fig. 6

1 MRARPQVCEALLFALALQTGVCYGIKWLALSKTPSALALNQTQHCKQLEG 50
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1 MRARPQVCEALLFALALQTGVCYGIKWLALSKTPSALALNQTQHCKQLEG 50

51 LVSAQVQLCRSNLELMHTVVHAAREVMKACRRAFADMRWNCSSIELAPNY 100
   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51 LVSAQVQLCRSNLELMHTVVHAAREVMKACRRAFADMRWNCSSIELAPNY 100

101 LLDLERGTRESAFVYALSAAAISHAIARACTSGDLPGCSCGPVPGEPPGP 150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 LLDLERGTRESAFVYALSAATISHAIARACTSGDLPGCSCGPVPGEPPGP 150

151 GNRWGRCADNLSYGLLMGAKFSDAPMKVKKTGSQANKLMRLHNSEVGRQA 200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 GNRWGRCADNLSYGLLMGAKFSDAPMKVKKTGSQANKLMRLHNSEVGRQA 200

201 LRASLEMKCKCHGVSGSCSIRTCWKGLQELQDVAADLKTRYLSATKVVHR 250
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 LRASLEMKCKCHGVSGSCSIRTCWKGLQELQDVAADLKTRYLSATKVVHR 250

Fig. 7

251 PMGTRKHLVPKDLDIRPVKDSELVYLQSSPDFCMKNEKVGSHGTQDRQCN 300
    |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
251 PMGTRKHLVPKDLDIRPVKDWELVYLQSSPDFCMKNEKVGSHGTQDRQCN 300

301 KTSNGSDSCDLM.....................CCYVTCRRCERTVER 327
    |||||||||||| |||||||||||||||
301 KTSNGSDSCDLMCCGRGYNPYTDRVVERCHCKYHWCCYVTCRRCERTVER 350

328 YVCK 331
    ||||
351 YVCK 354

Fig. 7(Cont.)

```
  1 MRARPQVCEALLFALALALQTGVCYGIKWLALSKTPSALALNQTQHCKQLEG  50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MRARPQVCEALLFALALALQTGVCYGIKWLALSKTPSALALNQTQHCKQLEG  50

 51 LVSAQVQLCRSNLELMHTVVHAAREVMKACRRAFADMRWNCSSIELAPNY  100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 LVSAQVQLCRSNLELMHTVVHAAREVMKACRRAFADMRWNCSSIELAPNY  100

101 LLDLERGTRESAFVYA........................  116
    ||||||||||||||||
101 LLDLERGTRESAFVYALSAATISHAIARACTSGDLPGCSGPVPGEPPGP  150

117 ....................................AADLKTRYLSATKVVHR  133
                                        ||||||||||||||||
201 LRASLEMKCKCHGVSGSCSIRTCWKGLQELQDVAADLKTRYLSATKVVHR  250

134 PMGTRKHLVPKDLDIRPVKDSELVYLQSSPDFCMKNEKVGSHGTQDRQCN  183
    |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
251 PMGTRKHLVPKDLDIRPVKDWELVYLQSSPDFCMKNEKVGSHGTQDRQCN  300
```

Fig. 8

184 KTSNGSDSCDLMCCGRGYNPYTDRVVERCHCKYHWCCYVTCRRCERTVER 233
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 KTSNGSDSCDLMCCGRGYNPYTDRVVERCHCKYHWCCYVTCRRCERTVER 350

234 YVCK 237
    ||||
351 YVCK 354

Fig. 8 (Cont.)

1 MSPFLRIGLSNFDCGSCQSCQGEAVNPYCAVLVKEYVESENGQMYIQKKP 50
  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1 MSPFLRIGLSNFDCGSCQSCQGEAVNPYCAVLVKEYVESENGQMYIQKKP 50

51 TMYPPWDSTFDAHINKGRVMQIIVGKNVDLISETTVELYSLAERCRKNN 100
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51 TMYPPWDSTFDAHINKGRVMQIIVGKNVDLISETTVELYSLAERCRKNN 100

101 GKTEIWLELKPQGRMLMNARYFLEMSDTKDMNEFETEGFFALHQRRGAIK 150
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 GKTEIWLELKPQGRMLMNARYFLEMSDTKDMNEFETEGFFALHQRRGAIK 150

151 QAKVHHVKCHEFTATFFPQPTFCSVCHEFVWGLNKQGYQCRQCNAAIHKK 200
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 QAKVHHVKCHEFTATFFPQPTFCSVCHEFVWGLNKQGYQCRQCNAAIHKK 200

201 CIDKVIAKCTGSAINSRETMFHKERFKIDMPHRFKVYNYKSPTFCEHCGT 250
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 CIDKVIAKCTGSAINSRETMFHKERFKIDMPHRFKVYNYKSPTFCEHCGT 250

251 LLWGLARQGLKCDACGMNVHHRCQTKVANLCGINQKLMAEALAMIESTQQ 300
  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 LLWGLARQGLKCDACGMNVHHRCQTKVANLCGINQKLMAEALAMIESTQQ 300

Fig. 9

301 ARCLRDTEQIFREGPVEIGLPCSIKNEARPPCLPTPGKREPQGISWESPL 350
    |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
301 ARCLRDTEQIFREGPVEIGLPCSIKNEARLPCLPTPGKREPQGISWESPL 350

351 DEVDKMCHLPEPELNKERPSLQIKLKIEDFILHKMLGKGSFGKVFLAEFK 400
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 DEVDKMCHLPEPELNKERPSLQIKLKIEDFILHKMLGKGSFGKVFLAEFK 400

401 KTNQFFAIKALKKDVVLMDDDVECTMVEKRVLSLAWEHPFLTHMFCTFQT 450
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 KTNQFFAIKALKKDVVLMDDDVECTMVEKRVLSLAWEHPFLTHMFCTFQT 450

451 KENLFFVMEYLNGGDLMYHIQSCHKFDLSRATFYAAEIILGLQFLHSKGI 500
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 KENLFFVMEYLNGGDLMYHIQSCHKFDLSRATFYAAEIILGLQFLHSKGI 500

501 VYRDLKLDNILLDKDGHIKIADFGMCKENMLGDAKTNTFCGTPDYIAPEI 550
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 VYRDLKLDNILLDKDGHIKIADFGMCKENMLGDAKTNTFCGTPDYIAPEI 550

Fig. 9(Cont.)

```
551  LLGQKYNHSVDWWSFGVLLYEMLIGQSPFHGQDEEELFHSIRMDNPFYPR  600
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551  LLGQKYNHSVDWWSFGVLLYEMLIGQSPFHGQDEEELFHSIRMDNPFYPR  600


601  WLEKEAKDLLVKV  613
     |||||||||||.
601  WLEKEAKDLLVKL  613
```

Fig. 9(Cont.)

```
  1 MPITRMRPWLEMQINSNQIPGLIWINKEEMIFQIPWKHAAKHGWDINK  50
    |||| |||||||||||||||||||||||||||| : |||||||||||||
  1 MPITWMRMRPWLEMQINSNQIPGLIWINKEEMILEIPWKHAAKHGWDINK  50

 51 DACLFRSWAIHTGRYKAGEKEPDPKTWKANFRCAMNSLPDIEEVKDQSRN 100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 DACLFRSWAIHTGRYKAGEKEPDPKTWKANFRCAMNSLPDIEEVKDQSRN 100

101 KGSSAVRVYRMLPPLTKNQRKERKSKSSRDAKSKAKRKSCGDSSPDTFSD 150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 KGSSAVRVYRMLPPLTKNQRKERKSKSSRDAKSKAKRKSCGDSSPDTFSD 150

151 GLSSSTLPDDHSSYTVPGYMQDLEVEQALTPALSPCAVSSTLPDWHIPVE 200
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 GLSSSTLPDDHSSYTVPGYMQDLEVEQALTPALSPCAVSSTLPDWHIPVE 200

201 VVPDSTSDLYNFQVSPMPSTSEATTDEDEEGKLPEDIMKLLEQSEWQPTN 250
    ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
201 VVPDSTSDLYNFQVSPMPSISEATTDEDEEGKLPEDIMKLLEQSEWQPTN 250

251 VDGKGYLLNEPGVQPTSVYGDFSCKEEPEIDSPGG 285
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 VDGKGYLLNEPGVQPTSVYGDFSCKEEPEIDSPGG 285
```

Fig. 10

```
  1 MWSWKCLLFWAVLVTATLCTARPSPTLPEQAQPWGAPVEVESFLVHPGDL  50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MWSWKCLLFWAVLVTATLCTARPSPTLPEQAQPWGAPVEVESFLVHPGDL  50

 51 LQLRCRLRDDVQSINWLRDGVQLAESNRTRITGEEVEVQDSVPADSGLYA 100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 LQLRCRLRDDVQSINWLRDGVQLAESNRTRITGEEVEVQDSVPADSGLYA 100

101 CVTSSPSGSDTTYFSVNVSDALPSSEDDDDDDSSSEEKETDNTKPNRMP  150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 CVTSSPSGSDTTYFSVNVSDALPSSEDDDDDDSSSEEKETDNTKPNRMP  150

151 VAPYWTSPEKMEKKLHAVPAAKTVKFKCPSSGTPNPTLRWLKNGKEFKPD 200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 VAPYWTSPEKMEKKLHAVPAAKTVKFKCPSSGTPNPTLRWLKNGKEFKPD 200

201 HRIGGYKVRYATWSIIMDSVVPSDKGNYTCIVENEYGSINHTYQLDVVER 250
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 HRIGGYKVRYATWSIIMDSVVPSDKGNYTCIVENEYGSINHTYQLDVVER 250

251 SPHRPILQAGLPANKTVALGSNVEFMCKVYSDPQPHIQWLKHIEVNGSKI 300
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 SPHRPILQAGLPANKTVALGSNVEFMCKVYSDPQPHIQWLKHIEVNGSKI 300
```

Fig. 11

301 GPDNLPYVQILKTAGVNTTDKEMEVLHLRNVSFEDAGEYTCLAGNSIGLS 350
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 GPDNLPYVQILKTAGVNTTDKEMEVLHLRNVSFEDAGEYTCLAGNSIGLS 350

351 HHSAWLTVLEALEERPAVMTSPLYLEIIYCTGAFLISCMVGSVIVYKMK 400
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 HHSAWLTVLEALEERPAVMTSPLYLEIIYCTGAFLISCMVGSVIVYKMK 400

401 SGTKKSDFHSQMAVHKLAKSIPLRRQVTVSADSSASMNSGVLLVRPSRLS 450
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 SGTKKSDFHSQMAVHKLAKSIPLRRQVTVSADSSASMNSGVLLVRPSRLS 450

451 SSGTPMLAGVSEYELPEDPRWELPRDRLVLGKPLGEGCFGQVVLAEAIGL 500
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 SSGTPMLAGVSEYELPEDPRWELPRDRLVLGKPLGEGCFGQVVLAEAIGL 500

501 DKDKPNRVTKVAVKMLKSDATEKDLSDLISEMEMMKMIGKHKNIINLLGA 550
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 DKDKPNRVTKVAVKMLKSDATEKDLSDLISEMEMMKMIGKHKNIINLLGA 550

Fig. 11 (Cont.)

```
551  CTQDGPLYVIVEYASKGNLREYLQARRPPGLEYCYNPSHNPEEQLSSKDL  600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551  CTQDGPLYVIVEYASKGNLREYLQARRPPGLEYCYNPSHNPEEQLSSKDL  600

601  VSCAYQVARGMEYLASKKCIHRDLAARNVLVTEDNVMKIADFGLARDIHH  650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601  VSCAYQVARGMEYLASKKCIHRDLAARNVLVTEDNVMKIADFGLARDIHH  650

651  IDYYKKTTNGRLPVKWMAPEALFDRIYTHQSDVWSFGV  688
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
651  IDYYKKTTNGRLPVKWMAPEALFDRIYTHQSDVWSFGV  688
```

Fig. 11(Cont.)

2   PKRGKKGAVAEDGDELRTEPEAKKSKTAAKKNDKEAAGEGPALYEDPPDQ   51
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1   PKRGKKGAVAEDGDELRTEPEAKKSKTAAKKNDKEAAGEGPALYEDPPDQ   50

52 KTSPSGKPATLKICSWNVDGLRAWIKKKGLDWVKEEAPDILCLQETKCSE   101
      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51 KTSPSGKPATLKICSWNVDGLRAWIKKKGLDWVKEEAPDILCLQETKCSE   100

102 NKLPAELQELPGLSHQYWSAPSDKEGYSGVGLLSRQCPLKVSYGI..... 146
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 NKLPAELQELPGLSHQYWSAPSDKEGYSGVGLLSRQCPLKVSYGIGDEEH   150

147 .............AYVPNAGRGLVRLEYRQRWDEAFRKFLKGLAS   178
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||
151 DQEGRVIVAEFDSFVLVTAYVPNAGRGLVRLEYRQRWDEAFRKFLKGLAS   200

179 RKPLVLCGDLNVAHEEIDLRNPKGNKKNAGFTPQERQGFGELLQAVPLAD   228
      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 RKPLVLCGDLNVAHEEIDLRNPKGNKKNAGFTPQERQGFGELLQAVPLAD   250

Fig. 12

```
229  SFRHLYPNTPYAYTFWTYMMNARSKNVGWRLDYFLLSHSLLPALCDSKIR  278
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  SFRHLYPNTPYAYTFWTYMMNARSKNVGWRLDYFLLSHSLLPALCDSKIR  300

     279  SKALGSDHCPITLYLAL  295
              |||||||||||||||||
     301  SKALGSDHCPITLYLAL  317
```

Fig. 12(Cont.)

```
  2 PKRGKKGAVAEDGDELRTGKGMKSALLPRNCGGGVCHSLDVREPEAKKSK  51
    |||||||||||||||                          |||||||
  1 PKRGKKGAVAEDGDELRT...................EPEAKKSK  26

 52 TAAKKNDKEAAGEGPALYEDPPDQKTSPSGKPATLKICSWNVDGLRAWIK 101
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 27 TAAKKNDKEAAGEGPALYEDPPDQKTSPSGKPATLKICSWNVDGLRAWIK  76

102 KKGLDWVKEEAPDILCLQETKCSENKLPAELQELPGLSHQYWSAPSDKEG 151
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 77 KKGLDWVKEEAPDILCLQETKCSENKLPAELQELPGLSHQYWSAPSDKEG 126

152 YSGVGLLSRQCPLKVSYGIGDEEHDQEGRVIVAEFDSFVLVTAYVPNAGR 201
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
127 YSGVGLLSRQCPLKVSYGIGDEEHDQEGRVIVAEFDSFVLVTAYVPNAGR 176

202 GLVRLEYRQRWDEAFRKFLKGLASRKPLVLCGDLNVAHEEIDLRNPKGNK 251
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
177 GLVRLEYRQRWDEAFRKFLKGLASRKPLVLCGDLNVAHEEIDLRNPKGNK 226
```

Fig. 13

```
252  KNAGFTPQERQGFGELLQAVPLADSFRHLYPNTPYAYTFWTYMMNARSKN  301
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
227  KNAGFTPQERQGFGELLQAVPLADSFRHLYPNTPYAYTFWTYMMNARSKN  276

302  VGWRLDYFLLSHSLLPALCDSKIRSKALGSDHCPITLYLAL  342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
277  VGWRLDYFLLSHSLLPALCDSKIRSKALGSDHCPITLYLAL  317
```

Fig. 13(Cont.)

```
  1 MFQAAERPQEWAMEGPRDGLKKERLLDDRHDSGLDSMKDEEYEQMVKELQ   50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MFQAAERPQEWAMEGPRDGLKKERLLDDRHDSGLDSMKDEEYEQMVKELQ   50

 51 EIRLEPQEVPRGSEPWKQQLTEDGDSFLHLAIIHEEKALTMEVIRQVKGD  100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 EIRLEPQEVPRGSEPWKQQLTEDGDSFLHLAIIHEEKALTMEVIRQVKGD  100

101 LAFLNFQNNLQQTPLHLAVITNQPEIAEALLGAGCDPELRDFRGNTPLHL  150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 LAFLNFQNNLQQTPLHLAVITNQPEIAEALLGAGCDPELRDFRGNTPLHL  150

151 ACEQGCLASVGVLTQSCTTPHLHSILKATNYNGHTCLHLASIHGYLGIVE  200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 ACEQGCLASVGVLTQSCTTPHLHSILKATNYNGHTCLHLASIHGYLGIVE  200

201 LLVSLGADVNAQEPCNGRTALHLAVDLQNPDLVSLLLKCGADVNRVTYQG  250
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 LLVSLGADVNAQEPCNGRTALHLAVDLQNPDLVSLLLKCGADVNRVTYQG  250
```

Fig. 14

251 YSPYQLTWGRPSTRIQQQLGQLTLENLQMLPESEDEESYDTESEFTEFTE 300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 YSPYQLTWGRPSTRIQQQLGQLTLENLQMLPESEDEESYDTESEFTEFTE 300

301 DEV 303
    ||.
301 DEL 303

Fig. 14 (Cont.)

```
  1 MFQAAERPQEWAMEGPKUG...
    |||||||||
  1 MFQAAERPQEWAMEGPRDGLKKERLLDDRHDSGLDSMKDEEYEQMVKELQ  50
    |||||||||
  1 MFQAAERPQEWAMEGPRDGLKKERLLDDRHDSGLDSMKDEEYEQMVKELQ  50

 51 EIRLEPQEVPRGSEPWKQQLTEDGDSFLHLAIIHEEKALTMEVIRQVKGD 100
    ||||||
 51 EIRLEPQEVPRGSEPWKQQLTEDGDSFLHLAIIHEEKALTMEVIRQVKGD 100

101 LAFLNFQNNLQQTPLHLAVITNQPEIAEALLGAGCDPELRDFRGNTPLHL 150
    ||||
101 LAFLNFQNNLQQTPLHLAVITNQPEIAEALLGAGCDPELRDFRGNTPLHL 150

151 ACEQGCLASVGVLTQSCTTPHLHSILKATNYNG............ 183
    |||||||||
151 ACEQGCLASVGVLTQSCTTPHLHSILKATNYNGHTCLHLASIHGYLGIVE 200

184 ..........QEPCNGRTALHLAVDLQNPDLVSLLLKCGADVNRVTYQG 222
    |||||||||
201 LLVSLGADVNAQEPCNGRTALHLAVDLQNPDLVSLLLKCGADVNRVTYQG 250
```

Fig. 15

223 YSPYQLTWGRPSTRIQQQLGQLTLENLQMLPESEDEESYDTESEFTEFTE 272
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 YSPYQLTWGRPSTRIQQQLGQLTLENLQMLPESEDEESYDTESEFTEFTE 300

273 DELPYDDCVFGGQRLTL 289
    |||||||||||||||||
301 DELPYDDCVFGGQRLTL 317

Fig. 15 (Cont.)

```
  1 MAGIFYFALFSCLFGICDAVTGSRVYPANEVTLLDSRSVQGELGWIASPL   50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MAGIFYFALFSCLFGICDAVTGSRVYPANEVTLLDSRSVQGELGWIASPL   50

 51 EGGWEEVSIMDEKNTPIRTYQVCNVMEPSQNNWLRTDWITREGAQRVYIE  100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 EGGWEEVSIMDEKNTPIRTYQVCNVMEPSQNNWLRTDWITREGAQRVYIE  100

101 IKFTLRDCNSLPGVMGTCKETFNLYYESDNDKERFIRENQFVKIDTIAA  150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 IKFTLRDCNSLPGVMGTCKETFNLYYESDNDKERFIRENQFVKIDTIAA  150

151 DESFTQVDIGDRIMKLNTEIRDVGPLSKKGFYLAFQDVGACIALVSVRVF  200
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 DESFTQVDIGDRIMKLNTEIRDVGPLSKKGFYLAFQDVGACIALVSVRVF  200

201 YKKCPLTVRNLAQFPDTITGADTSSLVEVRGSCVNNSEEKDVPKMYCGAD  250
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 YKKCPLTVRNLAQFPDTITGADTSSLVEVRGSCVNNSEEKDVPKMYCGAD  250

251 GEWLVPIGNCLCNAGHEERSGECQACKIGYYKALSTDATCAKCPPHSYSV  300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 GEWLVPIGNCLCNAGHEERSGECQACKIGYYKALSTDATCAKCPPHSYSV  300
```

Fig. 16

301 WEGATSCTCDRGFFRADNDAASMPCTRPPSAPLNLISNVNETSVNLEWSS 350
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 WEGATSCTCDRGFFRADNDAASMPCTRPPSAPLNLISNVNETSVNLEWSS 350

351 PQNTGGRQDISYNVVCKKCGAGDPSKCRPCGSGVHYTPQQNGLKTTKVSI 400
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 PQNTGGRQDISYNVVCKKCGAGDPSKCRPCGSGVHYTPQQNGLKTTKVSI 400

401 TDLLAHTNYTFEIWAVNGVSKYNPNPDQSVSVTVTTNQAAPSSIALVQAK 450
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 TDLLAHTNYTFEIWAVNGVSKYNPNPDQSVSVTVTTNQAAPSSIALVQAK 450

451 EVTRYSVALAWLEPDRPNGVILEYEVKYYEKDQNERSYRIVRTAARNTDI 500
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 EVTRYSVALAWLEPDRPNGVILEYEVKYYEKDQNERSYRIVRTAARNTDI 500

501 KGLNPLTSYVFEHVRARTAAGYGDFSEPLEVTTNTVPSRIIGDGANSTVLL 550
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 KGLNPLTSYVFEHVRARTAAGYGDFSEPLEVTTNTVPSRIIGDGANSTVLL 550

551 VSVSGSVVLVVILIAAFVISRRRSKYSKAKQEADEEKHLNQGVRTYVDPF 600
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551 VSVSGSVVLVVILIAAFVISRRRSKYSKAKQEADEEKHLNQGVRTYVDPF 600

Fig. 16(Cont.)

601 TYEDPNQAVREFAKEIDASCIKIEKVIGVGEFGEVCSGRLKVPGKREICV 650
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601 TYEDPNQAVREFAKEIDASCIKIEKVIGVGEFGEVCSGRLKVPGKREICV 650

651 AIKTLKAGYTDKQRRDFLSEASIMGQFDHPNIIHLEGVVTKCKPVMIITE 700
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
651 AIKTLKAGYTDKQRRDFLSEASIMGQFDHPNIIHLEGVVTKCKPVMIITE 700

701 YMENGSLDAFLRKNDGRFTVIQLVGMLRGIGSGMKYLSDMSYVHRDLAAR 750
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
701 YMENGSLDAFLRKNDGRFTVIQLVGMLRGIGSGMKYLSDMSYVHRDLAAR 750

751 NILVNSNLVCKVSDFGMSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTAPEAIAYRK 800
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
751 NILVNSNLVCKVSDFGMSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTAPEAIAYRK 800

801 FTSASDVWSYGIVMWEVMSYGERPYWDMSNQD................... 832
    ||||||||||||||||||||||||||||||||
801 FTSASDVWSYGIVMWEVMSYGERPYWDMSNQDVIKAIEEGYRLPPPMDCP 850

833 ....PNT 835
                                                   |||
851 IALHQLMLDCWQKERSDRPKFGQIVMLDKLIRNPNSLKRTGTESSRPNT 900

Fig. 16(Cont.)

836 ALLDPSSPEEFSAVVSVSVGDWLQAIKMDRYKDNFTAAGTTLEAVVHVNQED

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

901 ALLDPSSPEEFSAVVSVSVGDWLQAIKMDRYKDNFTAAGYTTLEAVVHVNQED 950

886 LARIGITAITHQNKILSSVQAMRTQMQQMHGRMVPV 921

|||||||||||||||||||||||||||||||||||

951 LARIGITAITHQNKILSSVQAMRTQMQQMHGRMVPV 986

Fig. 16(Cont.)

```
  1  MNDFGIKNMDQVAPVANSYRGTLKRQPAFDTFDGSLFAVFPSLNEEQTLQ      50
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MNDFGIKNMDQVAPVANSYRGTLKRQPAFDTFDGSLFAVFPSLNEEQTLQ      50

 51  EVPTGLDSISHDSANCELPLLTPCSKAVMSQALKATFSGF..........    90
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  EVPTGLDSISHDSANCELPLLTPCSKAVMSQALKATFSGFKKEQRRLGIP    100

 91  ........FWATNEFSLVNVNLQRFGMNGQMLCNLGKERFLEL          125
                |||||||||||||||||||||||||||||||||
101  KNPWLWSEQQVCQWLLWATNEFSLVNVNLQRFGMNGQMLCNLGKERFLEL    150

126  APDFVGDILWEHLEQMIKENQEKTEDQYEENSHLTSVPHWINSNTLGFGT    175
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  APDFVGDILWEHLEQMIKENQEKTEDQYEENSHLTSVPHWINSNTLGFGT    200

176  EQAPYGMQTQNYPKGGLLDSMCPASTPSVLSSEQEFQMFPKSRLSSVSVT    225
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  EQAPYGMQTQNYPKGGLLDSMCPASTPSVLSSEQEFQMFPKSRLSSVSVT    250

226  YCSVSQDFPGSNLNLLTNNSGTPKDHDSPENGADSFESSDSLLQSWNSQS    275
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  YCSVSQDFPGSNLNLLTNNSGTPKDHDSPENGADSFESSDSLLQSWNSQS    300
```

Fig. 17

276 SLLDVQRVPSFESFESFEDDCSQSICLNKPTMSFKDYIQERSDPVEQGKPVIP 325
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 SLLDVQRVPSFESFESFEDDCSQSICLNKPTMSFKDYIQERSDPVEQGKPVIP 350

326 AAVLAGFTGSGPIQLWQFLLELLSDKSCQSFISWTGDGWEFKLADPDEVA 375
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 AAVLAGFTGSGPIQLWQFLLELLSDKSCQSFISWTGDGWEFKLADPDEVA 400

376 RRWGKRKNKPKMNYEKLSRGLRYYYDKNIIHKTSGKRYVYRFVCDLQNLL 425
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 RRWGKRKNKPKMNYEKLSRGLRYYYDKNIIHKTSGKRYVYRFVCDLQNLL 450

426 GFTPEELHAILGVQPDTED 444
        |||||||||||||||||||
451 GFTPEELHAILGVQPDTED 469

Fig. 17(Cont.)

```
1    MAGSAMSSKFFLVALAIFFSFAQVVIEANSWWSLGMNNPVQMSEVYIIGA    50
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1    MAGSAMSSKFFLVALAIFFSFAQVVIEANSWWSLGMNNPVQMSEVYIIGA    50

51   QPLCSQLAGLSQGQKKLCHLYQDHMQYIGEGAKTGIKECQYQFRHRRWNC   100
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51   QPLCSQLAGLSQGQKKLCHLYQDHMQYIGEGAKTGIKECQYQFRHRRWNC   100

101  STVDNTSVFGRVMQIGSRETAFTYAVSAAGVVNAMSRACREGELSTCGCS   150
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  STVDNTSVFGRVMQIGSRETAFTYAVSAAGVVNAMSRACREGELSTCGCS   150

151  RAARPKDLPRDWLWGGCGGDNIDYGYRFAKEFVDARERERIHAKGSYESAR  200
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  RAARPKDLPRDWLWGGCGGDNIDYGYRFAKEFVDARERERIHAKGSYESAR  200

201  ILMNLHNNEAGRRTVYNLADVACKCHGVSGSCSLKTCWLQLADFRKVGDA   250
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  ILMNLHNNEAGRRTVYNLADVACKCHGVSGSCSLKTCWLQLADFRKVGDA   250

251  LKEKYDT  257
     ||||||.
251  LKEKYDS  257
```

Fig. 18

```
  1 MALRRSMGRPGLPPLPLPPPPRLGLLLAESAAAGLKLMGAPVKLTVSQGQ  50
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MALRRSMGRPGLPPLPLPPPPRLGLLLAESAAAGLKLMGAPVKLTVSQGQ  50

 51 PVKLNCSVEGMEEPDIQWVKDGAVVQNLDQLYIPVSEQHWIGFLSLKSVE 100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 PVKLNCSVEGMEEPDIQWVKDGAVVQNLDQLYIPVSEQHWIGFLSLKSVE 100

101 RSDAGRYWCQVEDGGETEISQPVWLTVEGVPFFTVEPKDLAVPPNAPFQL 150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 RSDAGRYWCQVEDGGETEISQPVWLTVEGVPFFTVEPKDLAVPPNAPFQL 150

151 SCEAVGPPEPVTIVWWRGTTKIGGPAPSPSVLNVTGVTQSTMFSCEAHNL 200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 SCEAVGPPEPVTIVWWRGTTKIGGPAPSPSVLNVTGVTQSTMFSCEAHNL 200

201 KGLASSRTATVHLQALPAAPFNITVTKLSSSNASVAWMPGADGRALLQSC 250
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 KGLASSRTATVHLQALPAAPFNITVTKLSSSNASVAWMPGADGRALLQSC 250

251 TVQVTQAPGGWEVLAVVVPVPPFTCLLRDLVPATNYSLRVRCANALGPSP 300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 TVQVTQAPGGWEVLAVVVPVPPFTCLLRDLVPATNYSLRVRCANALGPSP 300
```

Fig. 19

```
301  YADWVPFQTKGLAPASAPQNLHAIRTDSGLILEWEEVIPEAPLEGPLGPY   350
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301  YADWVPFQTKGLAPASAPQNLHAIRTDSGLILEWEEVIPEAPLEGPLGPY   350

351  KLSWVQDNGTQDELTVEGTRANLTGWDPQKDLIVRVCVSNAVGCGPWSQP   400
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351  KLSWVQDNGTQDELTVEGTRANLTGWDPQKDLIVRVCVSNAVGCGPWSQP   400

401  LVVSSHDRAGQQGPPHSRTSWVPVVLGVLTALVTAAALALILLRKRRKET   450
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401  LVVSSHDRAGQQGPPHSRTSWVPVVLGVLTALVTAAALALILLRKRRKET   450

451  RFGQAFDSVMARGEPAVHFRAARSFNRERPERIEATLDSLGISDELKEKL   500
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451  RFGQAFDSVMARGEPAVHFRAARSFNRERPERIEATLDSLGISDELKEKL   500

501  EDVLIPEQQFTLGRMLGKGEFGSVREAQLKQEDGSFVKVAVKMLKADIIA   550
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501  EDVLIPEQQFTLGRMLGKGEFGSVREAQLKQEDGSFVKVAVKMLKADIIA   550

551  SSDIEEFLREAACMKEFDHPHVAKLVGVSLRSRAKGRLPIPMVILPFMKH   600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551  SSDIEEFLREAACMKEFDHPHVAKLVGVSLRSRAKGRLPIPMVILPFMKH   600
```

Fig. 19 (Cont.)

```
601  GDLHAFLLASRIGENPFNLPLQTLIREMVDIACGMEYLSSRNFIHRDLAA  650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601  GDLHAFLLASRIGENPFNLPLQTLIREMVDIACGMEYLSSRNFIHRDLAA  650

651  RNCMLAEDMTVCVADFGLSRKIYSDCRY  678
     |||||||||||||||||||||| |
651  RNCMLAEDMTVCVADFGLSRKIYSGDYY  678
```

Fig. 19 (Cont.)

```
  1 MCRIAGALRTLLPLLIAALLQASVEASGEILALCTGFPEDVYSAVLSKDVH  50
    ||||||||||||||| ||||||||||||||| || |||||||||||||||||
  1 MCRIAGALRTLLPLLIAALLQASVEASGEIALCKTGFPEDVYSAVLSKDVH  50

 51 EGQPLLNVKFSNCNGKRKVQYESSEPADFKVDEDGMVYAVRSFPLSSEHA  100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 EGQPLLNVKFSNCNGKRKVQYESSEPADFKVDEDGMVYAVRSFPLSSEHA  100

101 KFLIYAQDKETQEKWQVAVKLSLKPTLTEESVKESAEVEEIVFPRQFSKH  150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 KFLIYAQDKETQEKWQVAVKLSLKPTLTEESVKESAEVEEIVFPRQFSKH  150

151 SGHLQRQKRDWVIPPINLPENSRGPFPQELVRIRSDRDKNLSLRYSVTGP  200
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 SGHLQRQKRDWVIPPINLPENSRGPFPQELVRIRSDRDKNLSLRYSVTGP  200

201 GADQPPTGIFIINPISGQLSVTKPLDREQIARFHLRAHAVDINGNQVENP  250
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 GADQPPTGIFIINPISGQLSVTKPLDREQIARFHLRAHAVDINGNQVENP  250

251 IDIVINVIDMNDNRPEFLHQVWNGTVPEGSKPGTYVMTVTAIDADDPNAL  300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 IDIVINVIDMNDNRPEFLHQVWNGTVPEGSKPGTYVMTVTAIDADDPNAL  300
```

Fig. 20

```
301 NGMLRYRIVSQAPSTPSPNMFTINNETGDIITVAAGLDREKVQQYTLIIQ 350
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 NGMLRYRIVSQAPSTPSPNMFTINNETGDIITVAAGLDREKVQQYTLIIQ 350

351 ATDMEGNPTYGLSNTATAVITVTDVNDNPPEFTAMTFYGEVPENRVDIIV 400
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 ATDMEGNPTYGLSNTATAVITVTDVNDNPPEFTAMTFYGEVPENRVDIIV 400

401 ANLTVTDKDQPHTPAWNAVYRISGGDPTGRFAIQTDPNSNDGLVTVVKPI 450
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 ANLTVTDKDQPHTPAWNAVYRISGGDPTGRFAIQTDPNSNDGLVTVVKPI 450

451 DFETNRMFVLTVAAENQVPLAKGIQHPPQSTATVSVTVIDVNENPYFAPN 500
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 DFETNRMFVLTVAAENQVPLAKGIQHPPQSTATVSVTVIDVNENPYFAPN 500

501 PKIIRQEEGLHAGTMLTFTAQDPDRYMQQNIRYTKLSDPANWLKIDPVN 550
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 PKIIRQEEGLHAGTMLTFTAQDPDRYMQQNIRYTKLSDPANWLKIDPVN 550

551 GQITTIAVLDRESPNVKNNIYNATFLASDNGIPPMSGTGTLQIYLLDIND 600
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551 GQITTIAVLDRESPNVKNNIYNATFLASDNGIPPMSGTGTLQIYLLDIND 600
```

Fig. 20(Cont.)

601 NAPQVLPQEAETCETPDPNSINITALDYDIDPNAGPFAFDLPLSPVTIKR 650
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601 NAPQVLPQEAETCETPDPNSINITALDYDIDPNAGPFAFDLPLSPVTIKR 650

651 NWTITRLNGDFAQLNLKIKFLEAGIYEVPIIITDSGNPPKSNISILRVKV 700
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
651 NWTITRLNGDFAQLNLKIKFLEAGIYEVPIIITDSGNPPKSNISILRVKV 700

701 CQCDSNGDCTDVDRIVGAGLGTGAIIAILLCIILILILVLMFVVWMKRRD 750
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
701 CQCDSNGDCTDVDRIVGAGLGTGAIIAILLCIILILILVLMFVVWMKRRD 750

751 KERQAKQLLIDPEDDVRDNILKYDEEGGGEEDQDYDLSQLQQPDTVEPDA 800
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
751 KERQAKQLLIDPEDDVRDNILKYDEEGGGEEDQDYDLSQLQQPDTVEPDA 800

801 IKPVGIRRMDERPIHAEPQYPVRSAAPHPGDIGDFINE 838
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
801 IKPVGIRRMDERPIHAEPQYPVRSAAPHPGDIGDFINE 838

Fig. 20 (Cont.)

1 MERVKMINVQRLLEAAEFLERRERECEHGYASSFPSMPSPRLQHSKPPRR 50
  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1 MERVKMINVQRLLEAAEFLERRERECEHGYASSFPSMPSPRLQHSKPPRR 50

51 LSRAQKHSSGSSNTSTANRSTHNELEKNR 79
   ||||||||||·||||||||||||||||||
51 LSRAQKHSSGTSNTSTANRSTHNELEKNR 79

Fig.21

```
 11  NVQILLEAASYLEQIEKENKKCEHGYASSFPSMPSPRLQHSKPPRRLSRA  60
     ||| |||| ||| :||. :||. |:|    ||||||||||||||||||||
  8  NVQRLLEAAEFLERRERE...CEHGYASSFPSMPSPRLQHSKPPRRLSRA  54

 61  QKHSSGSSNTSTANRSTHNELEKNRRAHLRLCLERLKVLIPLGPDCTRHT  110
     ||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 55  QKHSSGTSNTSTANRSTHNELEKNRRAHLRLCLERLKVLIPLGPDCTRHT  104

111  TLGLLNKAKAHIKKLEEAERKSQHQLENLEREQRFLKWRLEQLQGPQEME  160
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
105  TLGLLNKAKAHIKKLEEAERKSQHQLENLEREQRFLKWRLEQLQGPQEME  154

161  RIRMDSIGSTISSDRSDSEREEIEVDVESTEFSHGEVDNISTTSISDIDD  210
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
155  RIRMDSIGSTISSDRSDSEREEIEVDVESTEFSHGEVDNISTTSISDIDD  204

211  HSSLPSIGSDEGYSSASVKLSFTS  234
     ||||||||||||||||||||||||
205  HSSLPSIGSDEGYSSASVKLSFTS  228
```

Fig. 22

```
1   MESPASSQPASMPQSKGKSKRKKDLRISCMSKPPAPNPTPPRNLDSRTFI  50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1   MESPASSQPASMPQSKGKSKRKKDLRISCMSKPPAPNPTPPRNLDSRTFI  50

51  TIGDRNFEVEADDLVTISELGRGAYGVVEKVRHAQSGTIMAVKRIRATVN  100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51  TIGDRNFEVEADDLVTISELGRGAYGVVEKVRHAQSGTIMAVKRIRATVN  100

101 SQEQKRLLMDLDINMRTVDCFYTVTFYGALFREGDVWICMELMDTSLDKF  150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 SQEQKRLLMDLDINMRTVDCFYTVTFYGALFREGDVWICMELMDTSLDKF  150

151 YRKVLDKNMTIPEDILGEIAVSIVRALEHLHSKLSVIHRDVKPSNVLINK  200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 YRKVLDKNMTIPEDILGEIAVSIVRALEHLHSKLSVIHRDVKPSNVLINK  200

201 EGHVKMCDFGISGYLVDSVAKTMDAGCKPYMAPERINPELNQKGYNVKSD  250
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 EGHVKMCDFGISGYLVDSVAKTMDAGCKPYMAPERINPELNQKGYNVKSD  250
```

Fig. 23

251 VWSLGITMIEMAILRFPYESWGTPFQQLKQVVEEPSPQLPADREFSPEFVD 300
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 VWSLGITMIEMAILRFPYESWGTPFQQLKQVVEEPSPQLPADREFSPEFVD 300

301 FTAQCLRKNPAERMSYLELI 320
    ||||||||||||||||||.
301 FTAQCLRKNPAERMSYLELM 320

Fig. 23(Cont.)

```
  1 MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE  50
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE  50

 51 KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR 100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR 100

101 SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH 150
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH 150

151 SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP 200
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP 200

201 VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESP 242
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESP 242
```

Fig.24

```
  1  MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAAKAGEKTISVVLQLE   50
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAAKAGEKTISVVLQLE   50

 51  KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR   100
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR   100

101  SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH   150
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH   150

151  SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP   200
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP   200

201  VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESS......DF   244
       |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESPKGKRKLDL   250

245  GGVEEERSWRPQSIPIPSAP   264
       |.. .: |  ||
251  NQEEKKTPSKPPAQLSPSVP   270
```

Fig. 25

```
  1 MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE  50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE  50

 51 KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR 100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR 100

101 SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH 150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH 150

151 SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRLEDYMSDRVQFV.. 198
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| :|:
151 SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP 200

199 ITAQE.WDPSFEEALMDNPSLA 219
    :||: || : :| |
201 VTASDPAGPSYAAATLQASSAA 222
```

Fig. 26

```
  1  MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE   50
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MPEIRLRHVVSCSSQDSTHCAENLLKADTYRKWRAAKAGEKTISVVLQLE   50

 51  KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR  100
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  KEEQIHSVDIGNDGSAFVEVLVGSSAGGAGEQDYEVLLVTSSFMSPSESR  100

101  SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH  150
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  SGSNPNRVRMFGPDKLVRAAAEKRWDRVKIVCSQPYSKDSPFGLSFVRFH  150

151  SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP  200
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  SPPDKDEAEAPSQKVTVTKLGQFRVKEEDESANSLRPGALFFSRINKTSP  200

201  VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESPKGKRKLDL  250
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  VTASDPAGPSYAAATLQASSAASSASPVSRAIGSTSKPQESPKGKRKLDL  250

251  NQEEKKTPSKPPPAQLSPSVPKRPKLPAPTRTPATAPVPARAQGAVTGKPR  300
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  NQEEKKTPSKPPPAQLSPSVPKRPKLPAPTRTPATAPVPARAQGAVTGKPR  300
```

Fig. 27

301 GEGTEPRRPRAGPEELGKILQGVVVVLSGFQNPFRSELRDKALELGAKYR 350
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 GEGTEPRRPRAGPEELGKILQGVVVVLSGFQNPFRSELRDKALELGAKYR 350

351 PDWTRDSTHLICAFANTPKYSQVLGLGGRIVRKEWVLDCHRMRRRLPSRR 400
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 PDWTRDSTHLICAFANTPKYSQVLGLGGRIVRKEWVLDCHRMRRRLPSRR 400

401 YLMAGPGSSSEEDEASHSGGSGDEAPKLPQKQPQTKTKPTQAAGPSSPQK 450
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 YLMAGPGSSSEEDEASHSGGSGDEAPKLPQKQPQTKTKPTQAAGPSSPQK 450

451 PPTPEETKAASPVLQEDIDIEGVQSEGQDNGAEDSGDTEDELRRVAEQKE 500
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 PPTPEETKAASPVLQEDIDIEGVQSEGQDNGAEDSGDTEDELRRVAEQKE 500

501 HRLPPGQEENGEDPYAGSTDENTDSEEHQEPPDLPVPELPRFLPGQ 546
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| .
501 HRLPPGQEENGEDPYAGSTDENTDSEEHQEPPDLPVPELPDFFQGK 546

Fig. 27(Cont.)

```
  1  MAGAIASRMSFSSLKRRKQPKTFTVRIVTMDAEMEFNCEMKWKGKDLFDLV  50
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MAGAIASRMSFSSLKRRKQPKTFTVRIVTMDAEMEFNCEMKWKGKDLFDLV  50

 51  CRTLGLRETWFFGLQYTIKDTVAWLKMDKKVLDHDVSKEEPVTFHFLAKF  100
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  CRTLGLRETWFFGLQYTIKDTVAWLKMDKKVLDHDVSKEEPVTFHFLAKF  100

101  YPENAEEELVQEITQHLFFLQVKKQILDEKIYCPPEASVLLASYAVQAKY  150
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  YPENAEEELVQEITQHLFFLQVKKQILDEKIYCPPEASVLLASYAVQAKY  150

151  GDYDPSVHKRGFLAQEELLPKRVINLYQMTPEMWEERITAWYAEHRGRAR  200
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  GDYDPSVHKRGFLAQEELLPKRVINLYQMTPEMWEERITAWYAEHRGRAR  200

201  DEAEMEYLKIAQDLEMYGVNYFAIRNKKGTELLLGVDALGLHIYDPENRL  250
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  DEAEMEYLKIAQDLEMYGVNYFAIRNKKGTELLLGVDALGLHIYDPENRL  250

251  TPKISFPWKNEIRNISYSDKEFTIKPLDKKIDVFKFNSSKLRVNKLILQL  300
        |||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  TPKISFPW.NEIRNISYSDKEFTIKPLDKKIDVFKFNSSKLRVNKLILQL  299
```

Fig.28

```
301 CIGNHDLFMRRRKADSLEVQQMKAQAREEKARK.............. 333
    |||||||||||||||||||||||||||||||
300 CIGNHDLFMRRRKADSLEVQQMKAQAREEKARKQMERQRLAREKQMREEA 349

334 ........QMKEEATMANEALMRSEETADLLAEKAQITEEEAKLLA 371
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||
350 ERTRDELERRLLQMKEEATMANEALMRSEETADLLAEKAQITEEEAKLLA 399

372 QKAAEAEQEMQRIKATAIRTEEEKRLMEQKVLEAEVLALKMAEESERRAK 421
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
400 QKAAEAEQEMQRIKATAIRTEEEKRLMEQKVLEAEVLALKMAEESERRAK 449

422 EADQLKQDLQEAREAERRAKQKLLEIATKPTYPPMNPIPAPLPPDIPSFN 471
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
450 EADQLKQDLQEAREAERRAKQKLLEIATKPTYPPMNPIPAPLPPDIPSFN 499

472 LIGDSLSFDFKDTDMKRLSMEIEKEKVEYMEKSKHLQEQLNELKTEIEAL 521
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
500 LIGDSLSFDFKDTDMKRLSMEIEKEKVEYMEKSKHLQEQLNELKTEIEAL 549

522 KLKERETALDILHNENSDRGGSSKHNTIKKLTLQSAKSRVAFFEEL 567
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
550 KLKERETALDILHNENSDRGGSSKHNTIKKLTLQSAKSRVAFFEEL 595
```

Fig.28 (Cont.)

```
  1 MRERFDRFLHEKNCMTDLLAKLEAKTGVNRSFIALGVIGLVALYLVFGYG  50
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MRERFDRFLHEKNCMTDLLAKLEAKTGVNRSFIALGVIGLVALYLVFGYG  50

 51 ASLLCNLIGFGYPAYISIKAIESPNKEDDTQWLTYWVVYGVFSIAEFFSD 100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 ASLLCNLIGFGYPAYISIKAIESPNKEDDTQWLTYWVVYGVFSIAEFFSD 100

101 IFLSWFPFYYMLK 113
    |||||||||||||
101 IFLSWFPFYYMLK 113
```

Fig. 29

1 MDLEGDRNGGAKKKNFFKLNNKSEKDKKEKKPTVSVFSMFRYSNWLDKLY 50
   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1 MDLEGDRNGGAKKKNFFKLNNKSEKDKKEKKPTVSVFSMFRYSNWLDKLY 50

51 MVVGTLAAIIHGAGLPLMMLVFGEMTDIFANAGNLEDLMSNITNRSDIND 100
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
51 MVVGTLAAIIHGAGLPLMMLVFGEMTDIFANAGNLEDLMSNITNRSDIND 100

101 TGFFMNLEEDMTRYAYYYSGIGAGVLVAAYIQVSFWCLAAGRQIHKIRKQ 150
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 TGFFMNLEEDMTRYAYYYSGIGAGVLVAAYIQVSFWCLAAGRQIHKIRKQ 150

151 FFHAIMRQEIGWFDVHDVGELNTRLTDDVSKINEVIGDKIGMFFQSMATF 200
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 FFHAIMRQEIGWFDVHDVGELNTRLTDDVSKINEVIGDKIGMFFQSMATF 200

201 FTGFIVGFTRGWKLTLVILAISPVLGLSAAVWAKILSSFTDKELLAYAKA 250
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201 FTGFIVGFTRGWKLTLVILAISPVLGLSAAVWAKILSSFTDKELLAYAKA 250

251 GAVAEEVLAAIRTVIAFGGQKKELERYNKNLEEAKRIGIKKAITANISIG 300
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 GAVAEEVLAAIRTVIAFGGQKKELERYNKNLEEAKRIGIKKAITANISIG 300

Fig. 30

```
301  AAFLLIYASYALAFWYGTTLVLSGEYSIGQVLTVFFSVLIGAFSVGQASP  350
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301  AAFLLIYASYALAFWYGTTLVLSGEYSIGQVLTVFFSVLIGAFSVGQASP  350

351  SIEAFANARGAAYEIFKIIDNKPSIDSYSKSGHKPDNIKGNLEFRNVHFS  400
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351  SIEAFANARGAAYEIFKIIDNKPSIDSYSKSGHKPDNIKGNLEFRNVHFS  400

401  YPSRKEVKILKGLNLKVQSGQTVALVGNSGCGKSTTVQLMQRLYDPTEGM  450
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401  YPSRKEVKILKGLNLKVQSGQTVALVGNSGCGKSTTVQLMQRLYDPTEGM  450

451  VSVDGQDIRTINVRFLREIIGVVSQEPVLFATTIAENIRYGRENVTMDEI  500
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451  VSVDGQDIRTINVRFLREIIGVVSQEPVLFATTIAENIRYGRENVTMDEI  500

501  EKAVKEANAYDFIMKLPHKFDTLVGERGAQLSGGQKQRIAIARALVRNPK  550
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501  EKAVKEANAYDFIMKLPHKFDTLVGERGAQLSGGQKQRIAIARALVRNPK  550

551  ILLLDEATSALDTESEAVVQVALDKARKGRTTIVIAHRLSTVRNADVIAG  600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551  ILLLDEATSALDTESEAVVQVALDKARKGRTTIVIAHRLSTVRNADVIAG  600
```

Fig. 30(Cont.)

601 FDDGVIVEKGNHDELMKEKGIYFKLVTMQTAGNEVELENAADESKSEIDA 650
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
601 FDDGVIVEKGNHDELMKEKGIYFKLVTMQTAGNEVELENAADESKSEIDA 650

651 LEMSSNDSRSSLIRKRSTRRSVRGSQAQDRKLSTKEALDESIPPVSFWRI 700
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
651 LEMSSNDSRSSLIRKRSTRRSVRGSQAQDRKLSTKEALDESIPPVSFWRI 700

701 MKLNLTEWPYFVVGVFCAIINGGLQPAFAIIFSKIIGVFTRIDDPETKRQ 750
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
701 MKLNLTEWPYFVVGVFCAIINGGLQPAFAIIFSKIIGVFTRIDDPETKRQ 750

751 NSNLFSLLFLALGIISFITFFLQGFTFGKAGEILTKRLRYMVFRSMLRQD 800
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
751 NSNLFSLLFLALGIISFITFFLQGFTFGKAGEILTKRLRYMVFRSMLRQD 800

801 VSWFDDPKNTTGALTTRLANDAAQVKGAIGSRLAVITQNIANLGTGIIIS 850
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
801 VSWFDDPKNTTGALTTRLANDAAQVKGAIGSRLAVITQNIANLGTGIIIS 850

851 FIYGWQLTLLLLAIVPIIAIAGVVEMKMLSGQALKDKKELEGAGKIATEA 900
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
851 FIYGWQLTLLLLAIVPIIAIAGVVEMKMLSGQALKDKKELEGAGKIATEA 900

Fig. 30(Cont.)

```
901  IENFRTVVSLTQEQKFEHMYAQSLQVPYRNSLRKAHIFGITFSFTQAMMY  950
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
901  IENFRTVVSLTQEQKFEHMYAQSLQVPYRNSLRKAHIFGITFSFTQAMMY  950

951  FSYAGCFRFGAYLVAHKLMSFEDVLLVFSAVVFGAMAVGQVSSFAPDYAK  1000
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
951  FSYAGCFRFGAYLVAHKLMSFEDVLLVFSAVVFGAMAVGQVSSFAPDYAK  1000

1001 AKISAAHIIMIIEKTPLIDSYSTEGLMPNTLEGNVTFGEVVFNYPTRPDI  1050
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1001 AKISAAHIIMIIEKTPLIDSYSTEGLMPNTLEGNVTFGEVVFNYPTRPDI  1050

1051 PVLQGLSLEVKKGQTLALVGSSGCGKSTVVQLLERFYDPLAGKVLLDGKE  1100
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1051 PVLQGLSLEVKKGQTLALVGSSGCGKSTVVQLLERFYDPLAGKVLLDGKE  1100

1101 IKRLNVQWLRAHLGIVSQEPILFDCSIAENIAYGDNSRVVSQEEIVRAAK  1150
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1101 IKRLNVQWLRAHLGIVSQEPILFDCSIAENIAYGDNSRVVSQEEIVRAAK  1150

1151 EANIHAFIESLPNKYSTKVGDKGTQLSGGQKQRIAIARALVRQPHILLLD  1200
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1151 EANIHAFIESLPNKYSTKVGDKGTQLSGGQKQRIAIARALVRQPHILLLD  1200
```

1201 EATSALDTESEKVVQEALDKAREGRTCIVIAHRLSTIQNADLIVVFQNGR 1250
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1201 EATSALDTESEKVVQEALDKAREGRTCIVIAHRLSTIQNADLIVVFQNGR 1250

1251 VKEHGTHQQLLAQKGIYFSMVSVQAGT 1277
     ||||||||||||||||||||||||||||
1251 VKEHGTHQQLLAQKGIYFSMVSVQAGT 1277

Fig. 30(Cont.)

```
  1  MDLEGDRNGGAKKKNFFKLNNKSEKDKKEKKPTVSVFSMFRYSNWLDKLY          50
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MDLEGDRNGGAKKKNFFKLNNKSEKDKKEKKPTVSVFSMFRYSNWLDKLY          50

 51  MVVGTLAAIIHGAGLPLMMLVFGEMTDIFANAGNLEDLMSNITNRSDIND         100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  MVVGTLAAIIHGAGLPLMMLVFGEMTDIFANAGNLEDLMSNITNRSDIND         100

101  TGFFMNLEEDMTRYAYYYSGIGAGVLVAAYIQVSFWCLAAGRQIHKIRKQ         150
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  TGFFMNLEEDMTRYAYYYSGIGAGVLVAAYIQVSFWCLAAGRQIHKIRKQ         150

151  FFHAIMRQEIGWFDVHDVGELNTRLTDDVSKINEGIGDKIGMFFQSMATF         200
        |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
151  FFHAIMRQEIGWFDVHDVGELNTRLTDDVSKINEVIGDKIGMFFQSMATF         200

201  FTGFIVGFTRGWKLTLVILAISPVLGLSAAVWAKILSSFTDKELLAYAKA         250
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  FTGFIVGFTRGWKLTLVILAISPVLGLSAAVWAKILSSFTDKELLAYAKA         250

251  GAVAEEVLAAIRTVIAFGGQKKELERYNKNLEEAKRIGIKKAITTANISIG        300
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  GAVAEEVLAAIRTVIAFGGQKKELERYNKNLEEAKRIGIKKAITTANISIG        300
```

Fig. 31

```
301 AAFLLIYASYALAFWYGTTLVLSGEYSIGQVLTVFFSVLIGAFSVGQASP 350
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
301 AAFLLIYASYALAFWYGTTLVLSGEYSIGQVLTVFFSVLIGAFSVGQASP 350

351 SIEAFANARGAAYEIFKIIDNKPSIDSYSKSGHKPDNIKGNLEFRNVHFS 400
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 SIEAFANARGAAYEIFKIIDNKPSIDSYSKSGHKPDNIKGNLEFRNVHFS 400

401 YPSRKEVKILKGLNLKVQSGQTVALVGNSGCGKSTTVQLMQRLYDPTEGM 450
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 YPSRKEVKILKGLNLKVQSGQTVALVGNSGCGKSTTVQLMQRLYDPTEGM 450

451 VSVDGQDIRTINVRFLREIIGVVSQEPVLFATTIAENIRYGRENVTMDEI 500
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 VSVDGQDIRTINVRFLREIIGVVSQEPVLFATTIAENIRYGRENVTMDEI 500

501 EKAVKEANAYDFIMKLPHKFDTLVGERGAQLSGGQKQRIAIARALVRNPK 550
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 EKAVKEANAYDFIMKLPHKFDTLVGERGAQLSGGQKQRIAIARALVRNPK 550

551 ILLLDEATSALDTESEAEVQAALDKVSR 578
        ||||||||||||||||||  ||| : ||
551 ILLLDEATSALDTESEAVVQVALDKARK 578
```

Fig. 31(Cont.)

```
  1 MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER  50
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER  50

 51 NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE 100
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE 100

101 FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR 150
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101 FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR 150

151 DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM 200
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151 DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM 200

201 GYKENTE 207
    ||||| :
201 GYKENVD 207
```

Fig. 32

```
  1  MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER   50
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER   50

 51  NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE  100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE  100

101  FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR  150
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR  150

151  DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM  200
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM  200

201  GYKENVDLWSVGCIMGEMVCHKILFPGRDYIDQWNKVIEQLGTPCPEFMK  250
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  GYKENVDLWSVGCIMGEMVCHKILFPGRDYIDQWNKVIEQLGTPCPEFMK  250

251  KLQPTVRTYVENRPKYAGYSFEKLFPDVLFPADSEHNKLKASQ  293
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251  KLQPTVRTYVENRPKYAGYSFEKLFPDVLFPADSEHNKLKASQ  293
```

Fig. 33

```
  1  MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER  50
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MSRSKRDNNFYSVEIGDSTFTVLKRYQNLKPIGSGAQGIVCAAYDAILER  50

 51  NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE  100
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  NVAIKKLSRPFQNQTHAKRAYRELVLMKCVNHKNIIGLLNVFTPQKSLEE  100

101  FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR  150
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  FQDVYIVMELMDANLCQVIQMELDHERMSYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHR  150

151  DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM  200
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  DLKPSNIVVKSDCTLKILDFGLARTAGTSFMMTPYVVTRYYRAPEVILGM  200

201  GYKENVDLWSVGCIMGEMVCHKILFPGRDYIDQWNKVIEQLGTPCPEFMK  250
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  GYKENVDLWSVGCIMGEMVCHKILFPGRDYIDQWNKVIEQLGTPCPEFMK  250
```

Fig. 34

251 KLQPTVRTYVENRPKYAGYSFEKLFPDVLFPADSEHNKLKASQARDLLSK 300
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 KLQPTVRTYVENRPKYAGYSFEKLFPDVLFPADSEHNKLKASQARDLLSK 300

301 MLVIDASKRISVDEALQHPYINVWYDPSEAEARSCKL 337
    |||||||||||||||||||||||||||||||| |:
301 MLVIDASKRISVDEALQHPYINVWYDPSEAEAPPPKI 337

Fig. 34(Cont.)

```
  7 arsgfyrqevtktawevravyrdlqpvgsgaygavcsavdgrtgakvaik   56
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1 ARSGFYRQEVTKTAWEVRAVYRDLQPVGSGAYGAVCSAVDGRTGAKVAIK   50

 57 klyrpfqselfakrayrelrllkhmrhenviglldvftpdetlddftdfy  106
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51 KLYRPFQSELFAKRAYRELRLLKHMRHENVIGLLDVFTPDETLDDFTDFY  100

107 lvmpfmgtdlgklmkheklgedriqflvyqmlkglryihaagiihrdlkp  156
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| . |
101 LVMPFMGTDLGKLMKHEKLGEDRIQFLVYQMLKGLRYIHAAGIIHR.VSP  149

157 gnlavne  163
    | | . : |
150 GGEAAHQ  156
```

Fig. 35

```
  1  MSPFLRIGLSNFDCGSCQSCQGEAVNPYCAVLVKEYVESENGQMYIQKKP   50
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  1  MSPFLRIGLSNFDCGSCQSCQGEAVNPYCAVLVKEYVESENGQMYIQKKP   50

 51  TMYPPWDSTFDAHINKGRVMQIIVKGKNVDLISETTVELYSLAERCRKNN  100
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 51  TMYPPWDSTFDAHINKGRVMQIIVKGKNVDLISETTVELYSLAERCRKNN  100

101  GKTEIWLELKPQGRMLMNARYFLEMSDTKDMNEFETEGFFALHQRRGAIK  150
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
101  GKTEIWLELKPQGRMLMNARYFLEMSDTKDMNEFETEGFFALHQRRGAIK  150

151  QAKVHHVKCHEFTATFFPQPTFCSVCHEFVWGLNKQGYQCRQCNAAIHKK  200
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
151  QAKVHHVKCHEFTATFFPQPTFCSVCHEFVWGLNKQGYQCRQCNAAIHKK  200

201  CIDKVIAKCTGSAINSRETMFHKERFKIDMPHRFKVYNYKSPTFCEHCGT  250
        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
201  CIDKVIAKCTGSAINSRETMFHKERFKIDMPHRFKVYNYKSPTFCEHCGT  250
```

Fig. 36

251 LLWGLARQGLKCDACGMNVHHRCQTKVANLCGINQKLMAEEALAMIESTQQ 300
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
251 LLWGLARQGLKCDACGMNVHHRCQTKVANLCGINQKLMAEEALAMIESTQQ 300

301 ARCLRDTEQIFREGPVEIGLPCSIKNEARPPCLPTPGKREPQGISWESPL 350
    ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
301 ARCLRDTEQIFREGPVEIGLPCSIKNEARLPCLPTPGKREPQGISWESPL 350

351 DEVDKMCHLPEPELNKERPSLQIKLKIEDFILHKMLGKGSFGKVFLAEFK 400
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
351 DEVDKMCHLPEPELNKERPSLQIKLKIEDFILHKMLGKGSFGKVFLAEFK 400

401 KTNQFFAIKALKKDVVLMDDDVECTMVEKRVLSLAWEHPFLTHMFCTFQT 450
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
401 KTNQFFAIKALKKDVVLMDDDVECTMVEKRVLSLAWEHPFLTHMFCTFQT 450

451 KENLFFVMEYLNGGDLMYHIQSCHKFDLSRATFYAAEIILGLQFLHSKGI 500
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
451 KENLFFVMEYLNGGDLMYHIQSCHKFDLSRATFYAAEIILGLQFLHSKGI 500

Fig. 36 (Cont.)

```
501 VYRDLKLDNILLDKDGHIKIADFGMCKENMLGDAKTNTFCGTPDYIAPEI 550
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
501 VYRDLKLDNILLDKDGHIKIADFGMCKENMLGDAKTNTFCGTPDYIAPEI 550

551 LLGQKYNHSVDWWSFGVLLYEMLIGQSPFHGQDEEELFHSIRMDNPFYPR 600
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
551 LLGQKYNHSVDWWSFGVLLYEMLIGQSPFHGQDEEELFHSIRMDNPFYPR 600

601 WLEKEAKDLLVK..VRSEAKSVFIR 623
    ||||||||||   ||  .  . :|
601 WLEKEAKDLLVKLFVREPEKRLGVR 625
```

Fig. 36 (Cont.)